

تعیین ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B در افراد با آنتی ژن سطحی مثبت مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد

علی کریمی، لقمان سلیم زاده*، نادر باقری، کورش حیدری، سید مسیح حسینی

دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، مرکز تحقیقات گیاهان دارویی

تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۲/۲۴ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۴/۱۸

چکیده

زمینه و هدف: ویروس هپاتیت B یکی از عوامل مهم هپاتیت‌های ویروسی است که بر اساس تغییرات ژنتیکی در ژن کد کننده آنزیم پلی‌مراز آن، دارای هشت ژنوتیپ می‌باشد. نوع ژنوتیپ ویروس از فاکتورهای مهم مرتبط با پیشرفت بیماری و نیز پاسخ به درمان پس از ابتلا به این عفونت می‌باشد. هدف مطالعه حاضر تعیین ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B در افراد با آنتی ژن سطحی مثبت بود.

روش بررسی: این مطالعه تجربی بر روی نمونه‌های سرم ۱۱۶ فرد با آنتی ژن سطحی مثبت ویروس هپاتیت B مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد در سال ۱۳۹۰ صورت گرفت. ابتدا اسید نوکلئیک ویروس هپاتیت B از نمونه‌های سرمی استخراج گردید و سپس تست واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز بر روی این نمونه‌ها انجام شد. در ادامه عمل ژنوتیپینگ ویروس روی نمونه‌های مثبت شده در واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از تست Real-time-PCR و با به کار بردن پرایمرها و پروب‌های اختصاصی تایپ، انجام شد. داده‌ها با آزمون آماری کای دو تجزیه و تحلیل شدند.

یافته‌ها: تعداد ۲۳ نفر (۱۹/۸ درصد) از نظر اسید نوکلئیک ویروس هپاتیت B مثبت بودند. دو نوع ژنوتیپ به دست آمده از این ویروس و فراوانی آنها به ترتیب شامل ژنوتیپ D با فراوانی ۱۷ از ۲۳ (۷۳/۹ درصد) و ژنوتیپ C با فراوانی ۶ از ۲۳ (۲۶/۱ درصد) بودند.

نتیجه‌گیری: ژنوتیپ D، مانند برخی مناطق دیگر کشور ایران، ژنوتیپ غالب در شهرکرد بوده، ولی ژنوتیپ C نیز احتمالاً یکی از ژنوتیپ‌های دیگر شایع در این منطقه می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: ژنوتیپینگ، هپاتیت، پلی‌مراز

نویسنده مسئول: لقمان سلیم زاده، شهرکرد، رحمتیه، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، مرکز تحقیقات گیاهان دارویی

Email: Loghman_Salim@yahoo.com

مقدمه

حدود دو میلیارد نفر در جهان با ویروس هپاتیت B آلوده بوده و مرگ و میر سالانه ناشی از آن حدود ششصد میلیون نفر می‌باشد (۱ و ۲). ویروس هپاتیت B یک ویروس DNA دار است که به علت جهش‌های ژنتیکی در ژن کد کننده آنزیم پلی‌مران ویروس تا کنون هشت ژنوتیپ مختلف از آن که از A تا H نام‌گذاری شده‌اند، شناسایی شده است (۱-۳). نیاز روز افزون به شناخت و تعیین ژنوتیپ‌های این ویروس به این علت است که برخی ویژگی‌های مهم مرتبط با بیماری از جمله شدت بیماری، سیر بالینی، پیش آگهی، پاسخ به درمان، تفاوت‌های سرولوژیکی و تکثیر ویروس، به طور اختصاصی به نوع ژنوتیپ آن بستگی دارد (۱-۴).

بر اساس یک سری از گزارش‌ها، شدت بیماری کبدی در صورت آلودگی با ژنوتیپ C ویروس نسبت به ژنوتیپ B بیشتر است (۵ و ۱) و بیماری در این افراد با سرعت بیشتری باعث آسیب و نارسایی کبدی می‌شود (۲). همچنین به نظر می‌رسد که در بیماران آلوده شده با ژنوتیپ D میزان ابتلاء به کارسینومای هپاتوسلولار و ریسک عود ویروس نسبت به ژنوتیپ A بیشتر است (۶) و در ضمن این بیماران میزان مرگ و میر بالاتری پس از پیوند کبد دارند. علاوه بر این مشخص شده است که بیماران آلوده شده به ژنوتیپ‌های C و D ویروس نسبت به ژنوتیپ‌های A و B میزان پاسخ پایین‌تری به درمان با

اینترفرون آلفا دارند (۷ و ۱). نوع ژنوتیپ ممکن است که بر میزان ظهور موتاسیون‌های مقاومت به داروی لامیوودین که در درمان بیماران کاربرد دارد، تأثیر بگذارد که به نظر می‌رسد این مقاومت در ژنوتیپ A بیشتر از ژنوتیپ D باشد (۹ و ۸). همچنین نشان داده شده است که میزان آنزیم آلانین ترانس آمیناز سرم در عفونت ناشی از ژنوتیپ C بیشتر از میزان آن در عفونت با ژنوتیپ B است (۲). به علاوه امکان بروز سیروز و نیز هپاتیت برق آسا به دنبال عفونت با ژنوتیپ D زیاده‌تر از عفونت با ژنوتیپ A می‌باشد (۶ و ۵). نحوه انتقال نیز تا حدود زیادی در ژنوتیپ‌های مختلف این ویروس متفاوت می‌باشند و بر اساس یک گزارش، انتقال ژنوتیپ A عمدتاً از طریق تماس جنسی صورت می‌گیرد (۱۰).

ژنوتیپ‌های مختلف ویروس هپاتیت B توزیع جغرافیایی متفاوتی دارند و در ارتباط با شیوع ژنوتیپ‌های مختلف این ویروس، مطالعات متعددی در کشورهای مختلف جهان و نیز در کشور ایران صورت گرفته است (۱۵-۱۱). اگرچه در ارتباط با شیوع این ویروس در شهرکرد چند مطالعه سرولوژیکی صورت گرفته است (۱۸-۱۶)، ولی تاکنون مطالعه‌ای در رابطه با تعیین ژنوتیپ‌های شایع آن در این ناحیه انجام نشده است. لذا هدف از مطالعه حاضر تعیین ژنوتیپ‌های هپاتیت B در افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد بود.

روش بررسی

در این مطالعه تجربی، افراد مورد مطالعه، ۱۱۶ فرد با آنتی ژن سطحی مثبت هپاتیت B مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد بودند. جمعیت مذکور تقریباً تمامی افراد قابل دسترس با آنتی ژن سطحی مثبت در مدت زمان مطالعه در این شهر بودند.

نمونه سرم جمع آوری شده از افراد مذکور جهت انجام آزمایش های مولکولی در دمای ۷۰- درجه سانتی گراد نگهداری شد و به دنبال آن، اسید نوکلئیک موجود در سرم آنها با استفاده از کیت اختصاصی کیاژن ساخت کشور آلمان و بر اساس دستورالعمل شرکت سازنده استخراج گردید. در پایان اسید نوکلئیک به دست آمده به وسیله اسپکتروفوتومتر از نظر کمی ارزیابی شده و جهت انجام تست واکنش زنجیره ای پلی مران^(۱) به کار برده شد.

برای تشخیص DNA ویروس هپاتیت B در نمونه های استخراج شده از سرم های مذکور، روش واکنش زنجیره ای پلی مران معمولی با استفاده از کیت اختصاصی در دسترس نورژن ساخت کشور کانادا به همراه کنترل های مثبت و منفی این ویروس به کار برده شد. برای انجام تست مذکور از دستورالعمل توصیه شده در کیت استفاده گردید. در پایان، محصولات واکنش زنجیره ای پلی مران با استفاده از ژل پلی آکریل آمید الکتروفورز شده و پس از رنگ آمیزی به روش نیترا ت نقره بررسی شدند.

به منظور تعیین ژنوتیپ ویروس، تست

Real time-PCR بر روی نمونه های DNA استخراج

شده از سرم بیماران که بر اساس تست واکنش زنجیره ای پلی مران دارای DNA این ویروس بودند، انجام شد. تست مذکور بر اساس دستورالعمل توصیه شده در کیت در دسترس لایف ریور ساخت کشور چین صورت گرفت. کیت مورد نظر حاوی پرایمرها و پروب اختصاصی تیپ های B، C، D و همچنین کنترل مثبت هر کدام از تیپ های اشاره شده بود. مخلوط واکنش تیپ D مجزا بوده و بر اساس پروب اختصاصی مورد استفاده، می بایست در کانال کربوکسی فلورسئین قرائت شود. مخلوط واکنش تیپ های B و C مشترک بوده و بر اساس پروب های اختصاصی مورد استفاده، می بایست تیپ B در کانال کربوکسی فلورسئین و تیپ C در کانال کربوکسی دی کلو دی متوکسی فلورسئین قرائت شود. برای انجام این روش از دستگاه Rotor Gene 3000 ساخت کشور استرالیا استفاده شد. برنامه به کار برده شده در این تست که در سه مرحله صورت گرفت، شامل؛ دناتوره شدن اولیه در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد به مدت ۲ دقیقه، دناتوره شدن ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۲ دقیقه و واکنش های زنجیره ای شامل؛ ۴۰ سیکل به صورت دناتوره شدن در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ ثانیه و مرحله اتصال- پیشبرد در دمای ۶۲ درجه سانتی گراد به مدت ۴۰ ثانیه بود. در هر سیکل، قرائت فلورسنت در

1-Polymerase Chain Reaction (PCR)

بحث

به دلیل روش تکثیر متفاوت ویروس هپاتیت B نسبت به سایر ویروس‌های دارای DNA، میزان جهش در این ویروس و به ویژه در آنزیم پلی‌مراز ویروس زیادتر می‌باشد. لذا بر اساس تغییرات ژنتیکی ایجاد شده در ژن کد کننده این آنزیم، تا کنون هشت ژنوتیپ مختلف از ویروس هپاتیت B شناسایی شده است (۱ و ۲). آگاهی از نوع و فراوانی ژنوتیپ‌های ویروسی آلوده کننده بیماران عامل مهمی در پیش‌بینی احتمال پیدایش مقاومت به داروهای به کار برده شده و شدت و سرانجام بیماری بوده و در مدیریت درمان و کنترل بیماری‌های کبدی نیز کاربرد دارد. این مسئله احتمالاً در پیشبرد روند تولید واکسن علیه این ویروس و نیز از جنبه‌های اپیدمیولوژیکی ارزشمند خواهد بود (۳ و ۷). لذا هدف از مطالعه حاضر تعیین ژنوتیپ‌های هپاتیت B در افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد بود.

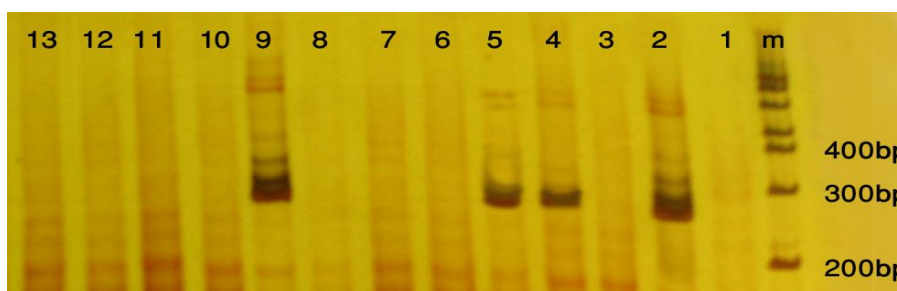
کانال‌های مورد نظر در دمای ۶۲ درجه سانتی‌گراد انجام گرفت.

داده‌های جمع‌آوری شده با استفاده از نرم‌افزار SPSS^(۱) و آزمون آماری کای دو^(۲) تجزیه و تحلیل شدند.

یافته‌ها

بر اساس نتایج واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، ۲۳ مورد از ۱۱۶ نفر (۱۹/۸ درصد) نمونه سرم افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت ویروس هپاتیت B بررسی شده، دارای اسید نوکلئیک ویروس بودند. محصول الکتروفورز واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز در تصویر ۱ نشان داده شده است.

بر اساس نتایج تست Real time-PCR بر روی نمونه‌های مذکور، دو نوع ژنوتیپ D و C این ویروس هپاتیت B به دست آمد که به ترتیب فراوانی عبارت از ژنوتیپ D به تعداد ۱۷ از ۲۳ نفر (۷۳/۹ درصد) و ژنوتیپ C به تعداد ۶ از ۲۳ نفر (۲۶/۱ درصد) بودند.



تصویر ۱: محصولات واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز الکتروفورز شده روی ژل پلی‌آکریل آمید به منظور بررسی حضور اسید نوکلئیک ویروس هپاتیت B (ستون m: مارکر، ستون ۱: کنترل منفی، ستون ۲: کنترل مثبت، ستون‌های ۴، ۵ و ۹ نمونه‌های مثبت، ستون‌های ۳، ۶، ۷، ۸، ۱۰، ۱۱، ۱۲ و ۱۳ نمونه‌های منفی می‌باشند).

1-Statistical Package for Social Sciences
2-Chi-square Test

در مطالعه حاضر از ۱۱۶ نمونه افراد با آنتی ژن سطحی مثبت، ۲۳ نفر (۱۹/۸ درصد) از نظر اسید نوکلئیک هپاتیت B مثبت بودند. ژنوتیپ D این ویروس با فراوانی ۱۷ از ۲۳ (۷۳/۹ درصد) ژنوتیپ غالب بود. در مطالعات صورت گرفته در برخی نقاط کشور مانند مطالعه علویان و همکاران (۲۰۰۶) در تهران، امینی و همکاران (۲۰۰۲) در انستیتو پاستور و نیز مطالعه شریفی و همکاران (۲۰۱۰) بر روی نمونه‌های به دست آمده از شهرهای کرمان، اصفهان، یزد و تهران، ژنوتیپ D به عنوان تنها ژنوتیپ شایع در این نواحی نام برده شده است که با نتایج مطالعه حاضر همخوانی داشته و نشان دهنده احتمالی غالب بودن این ژنوتیپ در تمام کشور ایران می‌باشد (۱۹ و ۱۵، ۱۴). همچنین نتایج تعدادی از بررسی‌های صورت گرفته در برخی نقاط جهان ژنوتیپ D را به عنوان ژنوتیپ غالب معرفی می‌نماید. در دو مطالعه جداگانه در ترکیه و مصر بر روی بیماران آلوده به ویروس هپاتیت B، ژنوتیپ D گزارش شده است (۲۱ و ۲۰). در بررسی صورت گرفته در عربستان سعودی بر روی ۷۰ نمونه، در ۸۱/۴ درصد موارد ژنوتیپ D به دست آمده است (۱۶). به علاوه بر اساس نتایج مطالعه‌ای در کشورهای حوزه مدیترانه، ژنوتیپ D این ویروس، شایع‌ترین ژنوتیپ در این ناحیه گزارش شده است (۲۲). مهم‌تر این که بر اساس نتایج دو مطالعه در افغانستان و پاکستان، این ژنوتیپ بیشترین فراوانی را داشته است (۲۳ و ۲۲). مطابقت

نتایج بررسی حاضر با نتایج فوق الذکر، حاکی از غالب بودن این ژنوتیپ در ایران و کشورهای همسایه آن می‌باشد. نتایج این بررسی‌ها، اطلاعات با ارزشی جهت درمان و نیز مطالعات اپیدمیولوژیک در این کشورها فراهم می‌نماید. در همین ارتباط، غالب بودن یک ژنوتیپ در این کشورها، می‌تواند نشان دهنده گردش این ژنوتیپ در مناطق و انتقال آن در اثر مهاجرت گسترده بین این نواحی باشد.

مهم‌ترین یافته مطالعه حاضر، جداسازی ژنوتیپ C با فراوانی ۶ از ۲۳ (۲۶/۱ درصد) به عنوان دومین ژنوتیپ به دست آمده می‌باشد. به نظر می‌رسد این اولین گزارش از جدا شدن این ژنوتیپ از کشور ایران است. اگرچه در برخی مطالعات انجام شده در کشور ایران وجود این ژنوتیپ گزارش نشده است (۱۹ و ۱۵، ۱۴)، ولی مطالعه‌های انجام شده در جنوب شرقی آسیا و چین، ژنوتیپ C را یکی از شایع‌ترین ژنوتیپ‌ها در این نواحی گزارش نموده است (۲۵ و ۲۴). نکته قابل توجه این که بر اساس گزارشی در افغانستان، ژنوتیپ C، دومین ژنوتیپ شایع در این منطقه بوده است که مشابه نتایج این مطالعه است (۲۶). همخوانی نتایج این بررسی با نتایج مطالعه افغانستان، به ویژه احتمالاً بیانگر ورود بعضی ژنوتیپ‌ها به کشور ایران در اثر مهاجرت افراد از کشورهای همسایه می‌باشد. مهاجر پذیر بودن منطقه مورد مطالعه یعنی استان چهارمحال و بختیاری نیز احتمالاً مؤید این موضوع می‌باشد. بهر حال جدا شدن ژنوتیپ C در این بررسی،

علی‌رغم این که شاید بحث‌انگیز باشد، نیاز به مطالعات گسترده‌تر، دقیق‌تر و به صورت مداوم را جهت تشخیص ژنوتیپ‌های احتمالی جدید آشکار می‌نماید.

نتیجه‌گیری

در مجموع این مطالعه نشان داد که در منطقه شهرکرد از کشور ایران، علاوه بر ژنوتیپ D، ژنوتیپ‌های دیگر نظیر ژنوتیپ C نیز ممکن است شیوع قابل توجهی داشته باشند.

تقدیر و تشکر

این مطالعه، حاصل طرح پژوهشی مصوب دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد با شماره ۷۴-۲۲۹-۱۳۸۹-۰۱ بود. از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه مذکور جهت حمایت مالی تقدیر و تشکر می‌شود.

REFERENCES:

1. Mumtaz K, Hamid S, Ahmed S, Moatter T, Mushtaq S, Khan A, et al. A study of genotypes, mutants and nucleotide sequence of hepatitis B virus in Pakistan: HBV genotypes in Pakistan. *Hepat Mon* 2011;11(1): 14-8.
2. Guirgis BS, Abbas RO, Azzazy HM. Hepatitis B virus genotyping: current methods and clinical implications. *Int J Infect Dis* 2010;14(11): e941-53.
3. Zhu CT, Dong CL. Characteristics of general distribution of hepatitis B virus genotypes in China. *Hepatobiliary Pancreat Dis Int* 2009; 8(4): 397-401.
4. Eftekhari Y, Kazemi Arababadi M, Hakimi H, Rezazadeh Zarandi E. Common HBV genotype in southeastern Iranian patients. *Arch Iran Med* 2010; 13(2): 147-9.
5. Alam MM, Zaidi SZ, Malik SA, Shaukat S, Naeem A, Sharif S, et al. Molecular epidemiology of Hepatitis B virus genotypes in Pakistan. *BMC Infect Dis* 2007; 7: 115.
6. Thakur V, Guptan RC, Kazim SN, Malhotra V, Sarin SK. Profile, spectrum and significance of HBV genotypes in chronic liver disease patients in the Indian subcontinent. *J Gastroenterol Hepatol* 2002; 17(2): 165-70.
7. Kao JH, Chen PJ, Lai MY, Chen DS. Occult hepatitis B virus infection and clinical outcomes of patients with chronic hepatitis C. *J Clin Microbiol* 2002; 40(11): 4068-71.
8. Buti M, Cotrina M, Valdes A, Jardi R, Rodriguez-Frias F, Esteban R. Is hepatitis B virus subtype testing useful in predicting virological response and resistance to lamivudine? *J Hepatol* 2002; 36(3): 445-6.
9. Zollner B, Petersen J, Schroter M, Laufs R, Schoder V, Feucht HH. 20-fold increase in risk of lamivudine resistance in hepatitis B virus subtype adw. *Lancet* 2001; 357(9260): 934-5.
10. Mahmood S, Niiyama G, Kamei A, Izumi A, Nakata K, Ikeda H, et al. Influence of viral load and genotype in the progression of Hepatitis B-associated liver cirrhosis to hepatocellular carcinoma. *Liver Int* 2005; 25(2): 220-5.
11. Kew MC, Kramvis A, Yu MC, Arakawa K, Hodgkinson J. Increased hepatocarcinogenic potential of hepatitis B virus genotype A in Bantu-speaking sub-saharan Africans. *J Med Virol* 2005; 75(4): 513-21.
12. Alfaresi M, Elkoush A, Alshehhi H, Alzaabi A, Islam A. Hepatitis B virus genotypes and precore and core mutants in UAE patients. *Virology* 2010; 7: 160.
13. Haddad R, Martinelli Ade L, Uyemura SA, Yokosawa J. Hepatitis B virus genotyping among chronic hepatitis b patients with resistance to treatment with lamivudine in the city of ribeirão preto, state of são paulo. *Rev Soc Bras Med Trop* 2010; 43(3): 224-8.
14. Alavian SM, Keyvani H, Rezai M, Ashayeri N, Sadeghi HM. Preliminary report of hepatitis B virus genotype prevalence in Iran. *World J Gastroenterol* 2006; 12(32): 5211-3.
15. Amini-Bavil-Olyaei S, Sarraimi-Forooshani R, Adeli A, Sabahi F, Abachi M, Azizi M, et al. Complete genomic sequence and phylogenetic relatedness of hepatitis B virus isolates from Iran. *J Med Virol* 2005; 76(3): 318-26.
16. Karimi A, Hoseini SM. Seroprevalence of Hepatitis B and C Virus and HIV Markers among Blood Donors from Shahre-Kord, Iran (2004-2006). *Kuwait Medical Journal* 2008; 40(4): 279-81.
17. Karimi A, Mokhtarian K. Evaluation of vaccine induced immunity to Hepatitis B Virus among health care workers in a university hospital in Iran. *Kuwait Medical Journal* 2010; 42 (3):202-4.
18. Karimi A, Imani R. Prevalence of HBsAg, HCV and HIV antibodies among intravenous drug users in Shahre-Kord, Iran. *Journal of Isfahan Medical sciences* 2007; 8: 10-4.
19. Sharifi Z, Gharehbaghian A, Noroozi M. Prevalence of hepatitis B virus genotypes to be determined by sequencing in blood donors in Kerman, Esfahan and Yazd. *The Scientific Journal of Iranian Blood Transfusion Organization* 2010; 6(4): 248-56.
20. Gust ID. Epidemiology of hepatitis B infection in the western pacific and south east asia. *Gut* 1996; 38(2): S18-23.

21. Naito H, Hayashi S, Abe K. Rapid and specific genotyping system for hepatitis B virus corresponding to six major genotypes by PCR using type-specific primers. *J Clin Microbiol* 2001; 39(1): 362-4.
22. Alexopoulou A, Dourakis SP. Genetic heterogeneity of hepatitis viruses and its clinical significance. *Curr Drug Targets Inflamm Allergy* 2005; 4(1): 47-55.
23. Baig S, Siddiqui A, Chakravarty R, Moatter T. Hepatitis B virus subgenotypes D1 and D3 are prevalent in Pakistan. *BMC Res Notes* 2009; 2: 1.
24. Zhang AM, Wang HF, Wang HB, Su HB, Xin SJ, Hu JH, et al. Distribution and clinical significance of HBV genotypes in patients with HBV infection in 30 regions of China. *Zhonghua Shi Yan He Lin Chuang Bing Du Xue Za Zhi* 2011; 25(2): 126-8.
25. Candotti D, Lin CK, Belkhiri D, Sakuldamrongpanich T, Biswas S, Lin S, et al. Occult hepatitis B infection in blood donors from South East Asia: molecular characterisation and potential mechanisms of occurrence. *Gut* 2012; 20: 40 .
26. Attaullah S, Rehman S, Khan S, Ali I, Ali S, Khan SN. Prevalence of hepatitis B virus genotypes in HBsAg positive individuals of Afghanistan. *Viol J* 2011; 8: 281.

Genotyping of Hepatitis B Virus in HBsAg Positive Individuals Referred to the Health Centers of Shahrekord, Iran

Karimi A, Salimzadeh L*, Bagheri N, Heidari K, Hosseini SM

Medical Plants Research Center, Shahrekord University of Medical Sciences, Shahrekord, Iran

Received: 13 May 2012

Accepted: 28 June 2012

Abstract

Background & aim: Hepatitis B Virus is one of the most important viral hepatitis which includes eight genotypes based on genetic variations in the gene encoding virus RNA polymerase. Clinical picture, treatment response and prognosis of HBV infection is genotype dependent. Therefore, this study was aimed to determine the HBV genotypes in HBsAg-positive individuals. .

Methods: This experimental study was conducted on one hundred and sixteen HBsAg-positive individuals referred to the health centers of Shahrekord, Iran, in 2011. Firstly, the viral nucleic acid was extracted from serum samples and subsequently, the samples were subjected to Polymerase Chain Reaction (PCR). Finally, genotyping was carried out on the positive samples, using Real-time PCR with type specific primers and probes. The data were analyzed using the chi-square test.

Results: 23 out of 116 (19.8%) of the HBsAg-positive individuals were positive for HBV DNA. 17 out of 23 (73.9%) and 6 out of 23 (26.1%) of the patients were found to be infected with HBV genotypes of D and C, respectively.

Conclusion: Same as other regions of Iran, genotype D, , is the dominate genotype of HBV in Shahrekord, Iran. However, genotype C may be one of the other common genotypes in this region.

Key words: Genotyping, Hepatitis, Polymerase Chain Reaction

*Corresponding Author: Salimzadeh L, Medical Plants Research Center, Shahrekord University of Medical Sciences, Shahrekord, Iran
Email: Loghman_Salim@yahoo.com